

# Análises bioinformáticas de ESTs oriundos de uma interação compatível entre *Hevea brasilienses* e *Microcyclus ulei*

Andrade Junior, SJ; Carels, N; Sousa, LA; Cardoso, S; Rodrigues, ACS; Dias, RJC; Gesteira, AS; Micheli, F; Cascardo, JCM; Garcia, D

Laboratório de Genética e Biologia Molecular, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC  
sizenando.andrade@gmail.com

**Palavras-chave:** Seringueira, *Microcyclus ulei*, Mal-das-folhas, biblioteca de cDNA

O Mal-das-folhas é responsável pelo baixo desenvolvimento da heveicultura na América Latina. Essa doença é provocada pelo ascomiceto *Microcyclus ulei*, fungo biotrófico que utiliza a seringueira como hospedeiro obrigatório. Para identificar genes candidatos que caracterizam a resposta compatível do hospedeiro, duas bibliotecas de cDNA enriquecidas em genes expressos de *Microcyclus ulei* e *Hevea brasiliensis* (cv. PB 314) foram criadas a partir de folhas coletadas entre 6 e 72 horas a.i. (Bib1) e de folhas coletadas entre 4 e 28 dias a.i. (Bib2). Para tanto, o RNA total foi extraído com o kit Concert® plant RNA extraction (Invitrogen) de folhas inoculadas e não inoculadas com esporos de *M. ulei*. A partir dos cDNAs SMART, duas bibliotecas substrativas (infectado contra sadio) foram obtidas usando PCR-Select cDNA Subtraction kit (Clontech). As seqüências selecionadas foram tratadas para eliminar (i) os fragmentos que possuíram um score inferior a Phred 10, (ii) a seqüência do vector, (iii) as terminações polyA/polyT e (iv) os primers. Dessa forma, foram obtidas, 1096 e 722 seqüências de um total de 1849 (Bib1) e 1321 (Bib2) clones de cDNA. Após eliminação da redundância, foi obtido um número de seqüências significativamente diferentes entre as duas bibliotecas (566 na Bib1 e 103 na Bib2). Usando BlastN entre as bibliotecas, 85 seqüências tiveram altos níveis de similaridade (identidade ≥90% em regiões homologas de pelo menos 50pb). Usando BlastX com GenBank NR, Pfam, GO, observou-se 208 ESTs da Bib1 (36%) e 54 ESTs da Bib2 (52%) que não apresentaram homologia (no hit). Essas seqüências são productos de expressão da planta como do fungo, por tanto para identificar a origem (planta vs. fungus) dos ESTs pretende-se isolar e seqüenciar genes expressos pelo fungo *Microcyclus ulei*. A possível papel dos genes identificados nesse estudo sobre a interação compatível *Hevea* – *M. ulei* é discutido.

Apoio financeiro: FAPESB, CNPq, Plantações Michelin da Bahia, MAE, CIRAD.